

Figure 1 : Alignment of the BASB110 polynucleotide sequences.

Identity to SeqID No:1 is indicated by a dot. Gap is indicated by a dash.

```

*                20                *
Seqid1  :  ATGACTGTGACGATAGCAATCAATTCACAA  :   30
Seqid3  :  .....                          :   30

```

```

              40              *              60
Seqid1  :  AATCAAAAACCCATCAAGCGATTGGGCTTG  :  60
Seqid3  :  ..... :  60

```

```

*               80               *
Seqid1  :  ATTTTGGTGTGATCACCATTGCATTTTG  :   90
Seqid3  :  ..... :   90

```

```

          100          *          120
Seqid1  :  GCAGGATGTGCCAGTAAGCCAACCTATAAT  :  120
Seqid3  :  .....                               :  120

```

```

                                *           140           *
Seqid1  :  AGTACCTCAGGTTCTGGGCAGTCATCGTACT  :  150
Seqid3  :  .....                               :  150

```

```

          160          *          180
Seqid1  :  TCAGGTTTCAGGTGGTTTGGCAATAGGTTCA  :  180
Seqid3  :  .....                               :  180

```

THE UNIVERSITY OF CHICAGO

* 200 *

Seqid1 : CAGGTTATCACGGACAGTCAGGGCGTACCA : 210
Seqid3 : : 210

220 * 240

Seqid1 : AATCGCTATCAGGTGAAGCAGGGCGATACT : 240
Seqid3 : : 240

* 260 *

Seqid1 : GTCAGTAAGATTGCTCAGCGTTATGGATTA : 270
Seqid3 : : 270

280 * 300

Seqid1 : AATTGGCGTGAGATTGGACACATTAATAAT : 300
Seqid3 : : 300

* 320 *

Seqid1 : CTAAATAGCAGTTATACGATTTATACAGGT : 330
Seqid3 :G..... : 330

340 * 360

Seqid1 : CAATGGCTGACTTTATGGTCAGGTGATCTC : 360
Seqid3 : : 360

* 380 *

Seqid1 : AAGGTGCGTGAGCGTAGTATCAGCTCTGGT : 390
Seqid3 : : 390

400 * 420
Seqid1 : GTGAATACAGCTCACACACCTTCGCCTGTG : 420
Seqid3 : : 420

* 440 *
Seqid1 : GCGGTTCAAGTCAAGCAGACCACAGTACAG : 450
Seqid3 : : 450

460 * 480
Seqid1 : CAGCATCCTGCCGTACAAAAACCCACGCCA : 480
Seqid3 : : 480

* 500 *
Seqid1 : CCTGTTGTTGTGGTAAAAAACCCACACCG : 510
Seqid3 : : 510

520 * 540
Seqid1 : ACTCCGCCTGTGGTTCAGCAGCCAGCACCA : 540
Seqid3 : : 540

* 560 *
Seqid1 : GTTGCCCCACCAAGTGACAGAAGCACCATTT : 570
Seqid3 : : 570

580 * 600
Seqid1 : GCCACGGGTAGCTCAGGGGTGATGCAATTT : 600
Seqid3 : : 600

```

                                *           620           *
Seqid1  :  CGCTATCCTGTTGGTGCACCAATCCAGTG  :  630
Seqid3  :  .....                               :  630

```

```

          640          *          660
Seqid1  :  GTTCGACGCTTTGGTACGGCGACAGTGGCC  :  660
Seqid3  :  . . . . . :  660

```

```

*               680               *
Seqid1  :  GGCTCAACTGTTACCAGTAATGGCATGTGG  :  690
Seqid3  :  .....                               :  690

```

```

              700              *              720
Seqid1  :  TTTTCTGGACGAGATGGCGATTTAATTAAC  :  720
Seqid3  :  .....                               :  720

```

```

*               740               *
Seqid1  :  GCCAGTAATGCAGGCACAGTCATTCAAGCT  :  750
Seqid3  :  .....                               :  750

```

```

              760              *              780
Seqid1  :  GATCACAATATGGACGGGGCGAGTATTGTG  :  780
Seqid3  :  .....                               :  780

```

THE

```

*               800               *
Seqid1  : ATTCAGCATACCAATGGATTTGTTTCAAGC : 810
Seqid3  : ..... : 810

```

```

      820      *      840
Seqid1  : TATATCCATATTAAGGACGCTCAAGTTAAA : 840
Seqid3  : ..... : 840

```

```

                                *           860           *
Seqid1  : ACAGGCGATACGGTGC GTACCGGTCAGCGT : 870
Seqid3  : ..... : 870

```

```

      880          *          900
Seqid1  :  ATTGCAAGCATGAAAAATCAGCCAAGCGGT  :  900
Seqid3  :  ..... :  900

```

```

*          920          *
Seqid1  : GCGGCACTATTTGAATTTAGAATTTCTAGA : 930
Seqid3  : ..... : 930

```

```

          940          *          960
Seqid1  : AATGGCGTGTATGTTGATCCATTGACAGTA : 960
Seqid3  : ..... : 960

```

```
Seqid1  : CTTAAATAG  : 969
Seqid3  : .....---  : 966
```

THE UNIVERSITY OF CHICAGO

Figure 2 : Alignment of the BASB110 polypeptide sequences.

Identity to SeqID No:2 is indicated by a dot. Gap is indicated by a dash.

```

                *           20           *
Seqid2 :  MTVTIAINSQNQKPIKRLGLIFGVITTCIL : 30
Seqid4 :  ..... : 30

                40           *           60
Seqid2 :  AGCASKPTYNSTSGSGSHRTSGSGGLAIGS : 60
Seqid4 :  ..... : 60

                *           80           *
Seqid2 :  QVITDSQGVPNRYQVKQGD TVSKIAQRYGL : 90
Seqid4 :  ..... : 90

                100           *           120
Seqid2 :  NWREIGHINN LNSSYTIYTGQWLT LWSGDL : 120
Seqid4 :  .....G..... : 120

                *           140           *
Seqid2 :  KVRERSISSGVNTAHTPSPVAVQSSRPPVQ : 150
Seqid4 :  ..... : 150

                160           *           180
Seqid2 :  QHPAVQKPTPPVVVVKKPTPTPPVVQQPAP : 180
Seqid4 :  ..... : 180

```

2050E0" 9048T00T

* 200 *

Seqid2 : VAPPVTEAPFATGSSGVMQFRYPVGATNPV : 210

Seqid4 : : 210

220 * 240

Seqid2 : VRRFGTATVAGSTVTSNGMWFSGRDGD LIN : 240

Seqid4 : : 240

* 260 *

Seqid2 : ASNAGTVIQADHNMDGASIVIQHTNGFVSS : 270

Seqid4 : : 270

280 * 300

Seqid2 : YIHIKDAQVKTGDTVRTGQRIASMKNQPSG : 300

Seqid4 : : 300

* 320

Seqid2 : AALFEFRISRNGVYVDPLTVLK : 322

Seqid4 : : 322

2050E0" 9048T00T

Figure 3-A : Coomassie stained SDS-polyacrylamide gel of purified BASB110

Figure 3-B: Western-blotting of purified BASB110 (anti-His antibody).

Figure 3-A Figure 3-B

